

E. Ciências Agrárias - 1. Agronomia - 4. Fitotecnia

DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM ACESSOS DE PINHÃO-MANSO COM A UTILIZAÇÃO DE DIFERENTES ANÁLISES MULTIVARIADA

Bruno Portela Brasileiro ¹

Simone Alves Silva ²

Pedro de Almeida Santos ³

1. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB
2. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB
3. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB

INTRODUÇÃO:

O Pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.) está sendo considerada uma opção agrícola em regiões tropicais e vem se destacando como planta oleaginosa viável para a obtenção do biodiesel (Arruda, 2004). Com os avanços nas áreas de tecnologia computacional, taxonomia numérica e métodos de estatística multivariada, ferramentas poderosas tem surgido e contribuído para a classificação e conservação de recursos genéticos (Ortiz et al., 2008). Em estudos de diversidade genética a variação entre indivíduos, grupos de indivíduos ou populações são analisados por um método específico ou por uma combinação de métodos (Mohammadi & Prasanna, 2003). Vários métodos biométricos podem ser utilizados, como a análise de componentes principais, variáveis canônicas e métodos aglomerativos. A escolha do método depende da precisão desejada pelo pesquisador, da facilidade da análise e da forma como os dados são obtidos. A melhor estratégia de classificação numérica é aquela que define os grupos mais compactos e bem separados, ou seja, com mínima variação dentro dos grupos e máxima variação entre grupos. Este trabalho teve por objetivo estimar a divergência genética entre famílias de meios irmãos de Pinhão-manso por meio de métodos hierárquicos, de otimização e de dispersão gráfica.

METODOLOGIA:

Foram avaliados 20 acessos de Pinhão-manso implantados na área experimental do Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. O experimento foi instalado no delineamento em blocos casualizados (DBC) com quatro repetições e 10 plantas por parcela, totalizando 800 indivíduos. Foram avaliados os caracteres estatura de planta (EST), diâmetro do caule (DC), número de ramificações primárias (RP) e secundárias (RS), número de cachos (NC), frutos (NF) e sementes (NS) e sobrevivência de plantas (SB). A partir da matriz de distância de Mahalanobis gerada com as médias obtidas via REML/BLUP foi realizado o agrupamento pelo método hierárquico (UPGMA) e pelo método de otimização (Tocher) com o uso do software S E L E G E N - R E M L / B L U P . A análise de componentes principais (PCA) foi realizada com o uso do software STATISTICA (STATISTICA, 2005). O agrupamento pelo método Ward-MLM foi realizado com a utilização do software SAS versão 9.1.3 (SAS, 2003).

RESULTADOS:

A partir da função logarítmica de verossimilhança, obtida pelo método Ward-MLM ocorreu a formação de 4 grupos. A duas primeiras variáveis canônicas obtidas pela metodologia Ward-MLM explicaram 97,51% da variação observada, sendo possível compreender de maneira satisfatória a variabilidade genética entre os acessos avaliados e a relação entre os grupos e os genótipos dentro dos grupos.

As técnicas que possibilitaram a dispersão gráfica dos acessos formaram 4 grupos, entretanto, apresentaram discordância com relação aos grupos formados. Na estratégia Ward-MLM os grupos foram mais compactos e mais numerosos. A utilização da média da matriz de distância de Mahalanobis como ponto de corte apresentou a formação de 6 grupos pelo método UPGMA o que também foi obtido pelo método de otimização, havendo coincidência com relação aos indivíduos pertencentes aos 6 grupos nas duas metodologias. Nos métodos UPGMA, de Tocher e Ward-MLM os acessos 1 e 2 deram origem a um grupo a parte, o que não foi possível visualizar na PCA. Este fato exemplifica a importância da utilização de diferentes procedimentos estatísticos com a finalidade de obter um melhor entendimento da variabilidade e relação entre os acessos presentes nas coleções de trabalho e nos bancos de germoplasma.

CONCLUSÃO:

A análise utilizada pode interferir nas escolhas tomadas pelo pesquisador, entretanto, a utilização de diferentes ferramentas permite um melhor entendimento das relações entre os genótipos e os grupos formados. A estratégia de análise baseada no procedimento Ward-MLM possibilitou um adequado agrupamento dos acessos de *Jatropha curcas*, permitindo maior entendimento da relação entre os genótipos e os grupos formados.

Instituição de Fomento: Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado da Bahia - FAPESB

Palavras-chave: Análise de Agrupamento, *Jatropha curcas*, Modified Location Model.